

EXHIBIT A

Sequence alignment (SEQ ID NO:1 top and SEQ ID NO:3 bottom)

```
>_ 861 nt vs.
>_ 796 nt
scoring matrix: , gap penalties: -12/-2
92.0% identity; Global alignment score: 3006

      10      20      30      40      50      60
935757 ATGAACAAAGTTGAAATCATCGCAGAAGGATAAAGTTCGTCAGTTTATGATCTTCACACAA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
-      -----CGTCAGTTTATGATCTTTCACACAA
                        10      20

      70      80      90      100     110     120
935757 TCTAGTGAAAAACAGCAGTAAGTTGTCTTTCTCAAAATGACTGGAAGTTAGATGTTGCA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
-      TCTAGTGAAAAACAGCAGTAAGTTGTCTTTCTCAAAATGACTGGAAGTTAGATGTTGCA
      30      40      50      60      70      80

      130     140     150     160     170     180
935757 ACAGATAATTTTTTCCAAAATCCTGAACTTTATATACGAGAGAGTGTAAGGATCATTG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
-      ACAGATAATTTTTTCCAAAATCCTGAACTTTATATACGAGAGAGTGTAAGGATCATTG
      90     100     110     120     130     140

      190     200     210     220     230     240
935757 GACAGGAAGAAGTTAGAACAGCTGTACAATAGATACAAAGACCCCTCAAGATGAGAATAAA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
-      GACAGGAAGAAGTTAGAACAGCTGTACAATAGATACAAAGACCCCTCAAGATGAGAATAAA
      150     160     170     180     190     200

      250     260     270     280     290     300
935757 ATTGGAATAGATGGCATAACAGCAGTTCTGTGATGACCTGGCACTCGATCCAGCCAGCATT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
-      ATTGGAATAGATGGCATAACAGCAGTTCTGTGATGACCTGGCACTCGATCCAGCCAGCATT
      210     220     230     240     250     260

      310     320     330     340     350     360
935757 AGTGTGTTGATTATTGTCATGGAAGTTCAGAGCAGCAACACAGTGCAGGTTCTCCAACAG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
-      AGTGTGTTGATTATTGCGTGGAAAGTTCAGAGCAGCAACACAGTGCAGGTTCTCCAACAG
      270     280     290     300     310     320

      370     380     390     400     410     420
935757 GAGTTCATGGATGGCATGACAGAATTAGGATGTGACAGCATAGAAAAACTAAAGGCCAG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
-      GAGTTCATGGATGGCATGACAGAATTAGGATGTGACAGCATAGAAAAACTAAAGGCCAG
      330     340     350     360     370     380

      430     440     450     460     470     480
935757 ATACCCAAGATGGAACAAGAATTGAAAGAACCAGGACGATTTAAAGGATTTTACCAGTTT
```

Elapsed time: 0:00